

MOR	WENLLKICVFIFAFIMPILIIITVCYGLMILRLKSVRLSGSKEKDRNLRR	277
DOR	-DVT-----VV-----L---R---L-----S---	258
SOM1	-LVGFVLYT-LMG-LL-VGA-CL--V-I-AKMRM-ALKA-WQQRK-SE-K	268
SOM2	-YTGFI-YA--LG-LV-LT--CL--LRI-IKV--SGIRV--SKRKKSEKK	253
	V	
MOR	ITRMVLVVAVFIVCWTPIHIIYIIKALITIPETFQTV SWHFCIALGY	326
DOR	-----GA-V---A-----F--VWT-VD-NRRDPLV-AAL-L-----	308
SOM1	--L--MM--M--VI--M- FYVV Q-VNVFAEQDDATV-QLSV- ---	313
SOM2	V-----SI-----F--L-FY-FNVSSVSA-SP-PALKGMDFV- -T-	302
	VI	
MOR	TNSCLNPVLYAFLDENFKRCFRCIPTSTIEQQNSTVRQ NTREHPS	375
DOR	A--S-----Q-L-RTPCGRQ-PGSLR-P--AT---RV	357
SOM1	A--A--I--G--SD-----S-QRILCLSWMDNAAEEPVDYY ATALKSRA	362
SOM2	A--A--I--A--SD---KS-QNVLCVVKVSGAEDGERSDSKQDKSRLNE	352
	VII	
MOR	TANTVDRTNHQLENLEAETAPLP	398
DOR	--C-PSDGGPGGAAA	372
SOM1	YSVEDFQPENLESGGVFRNGTCASRISTL	391
SOM2	-TE- Q--LLNGDLQTSI	369

FIG. 1B

TDH240-024T4860

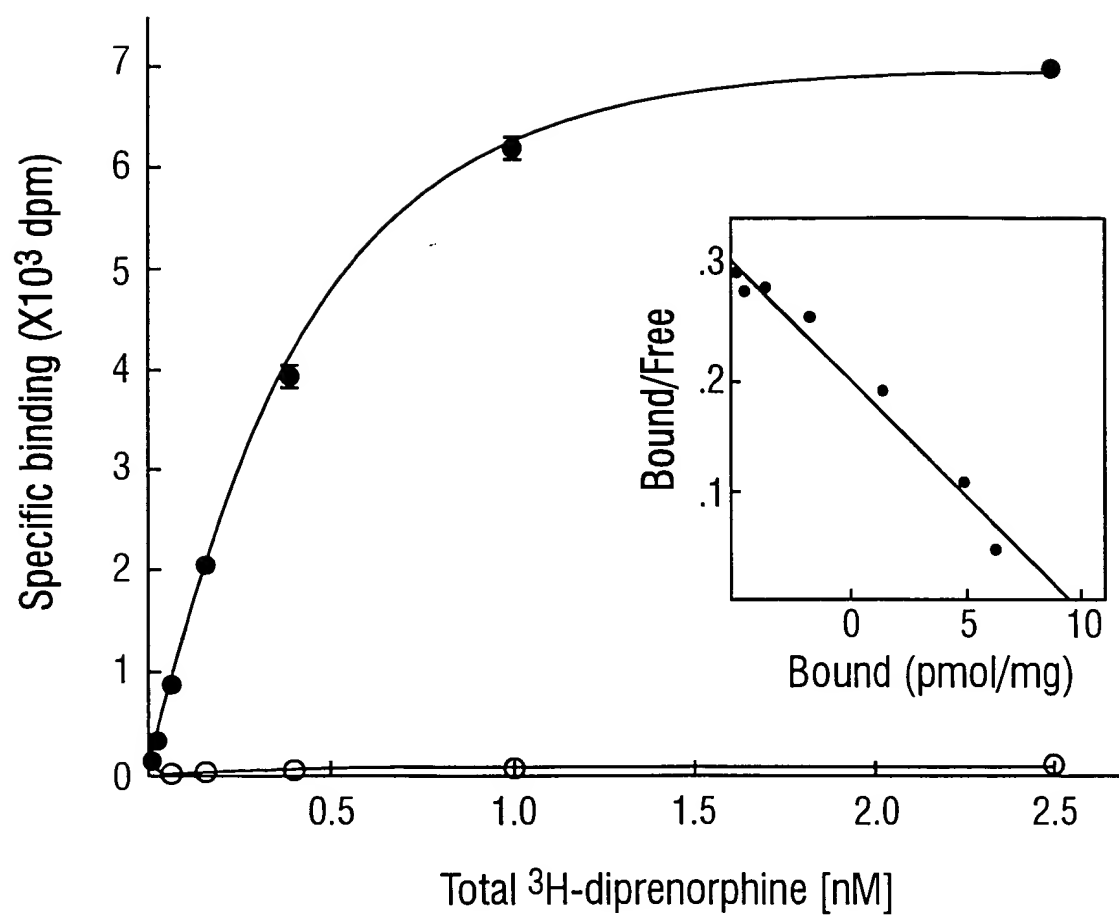


FIG.2

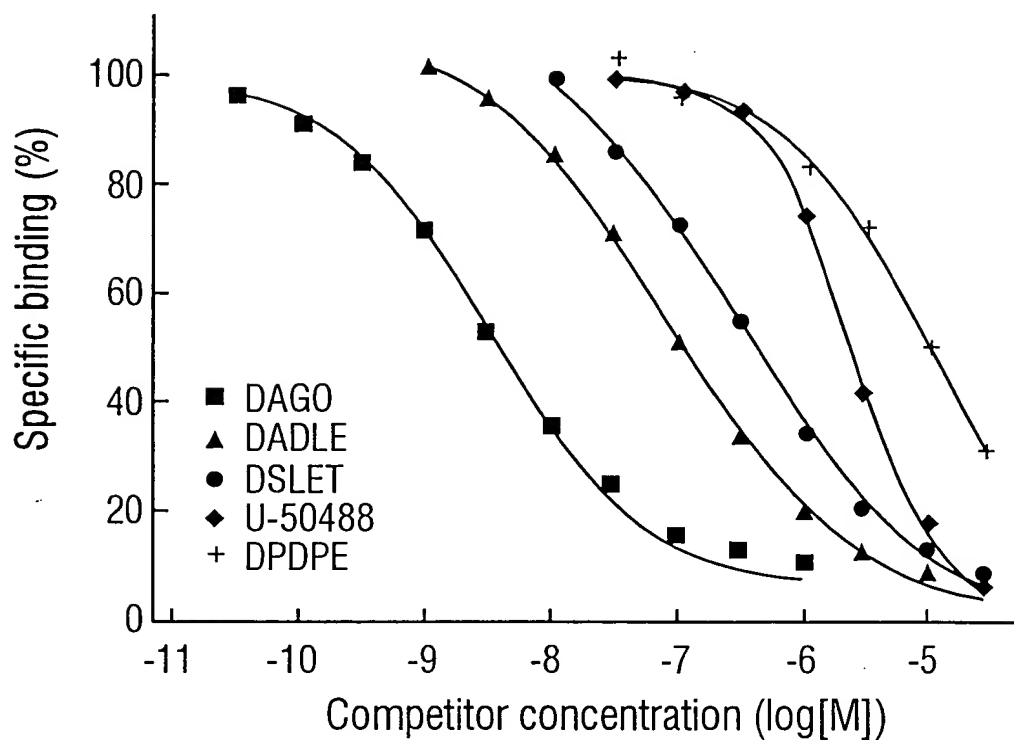


FIG. 3A

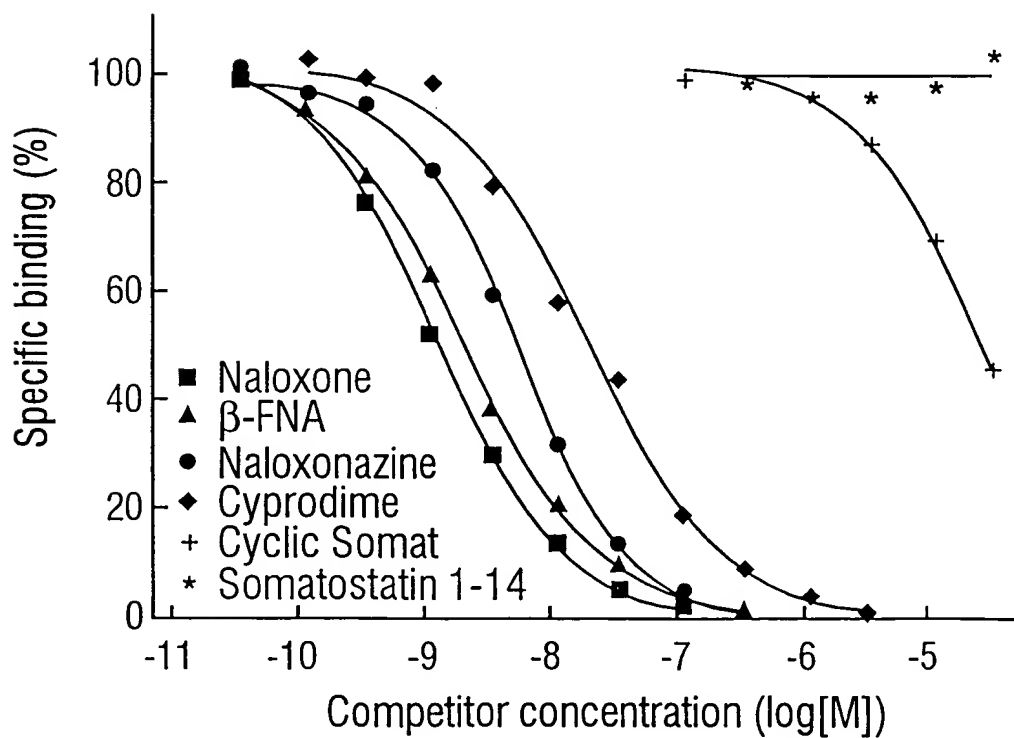


FIG. 3B

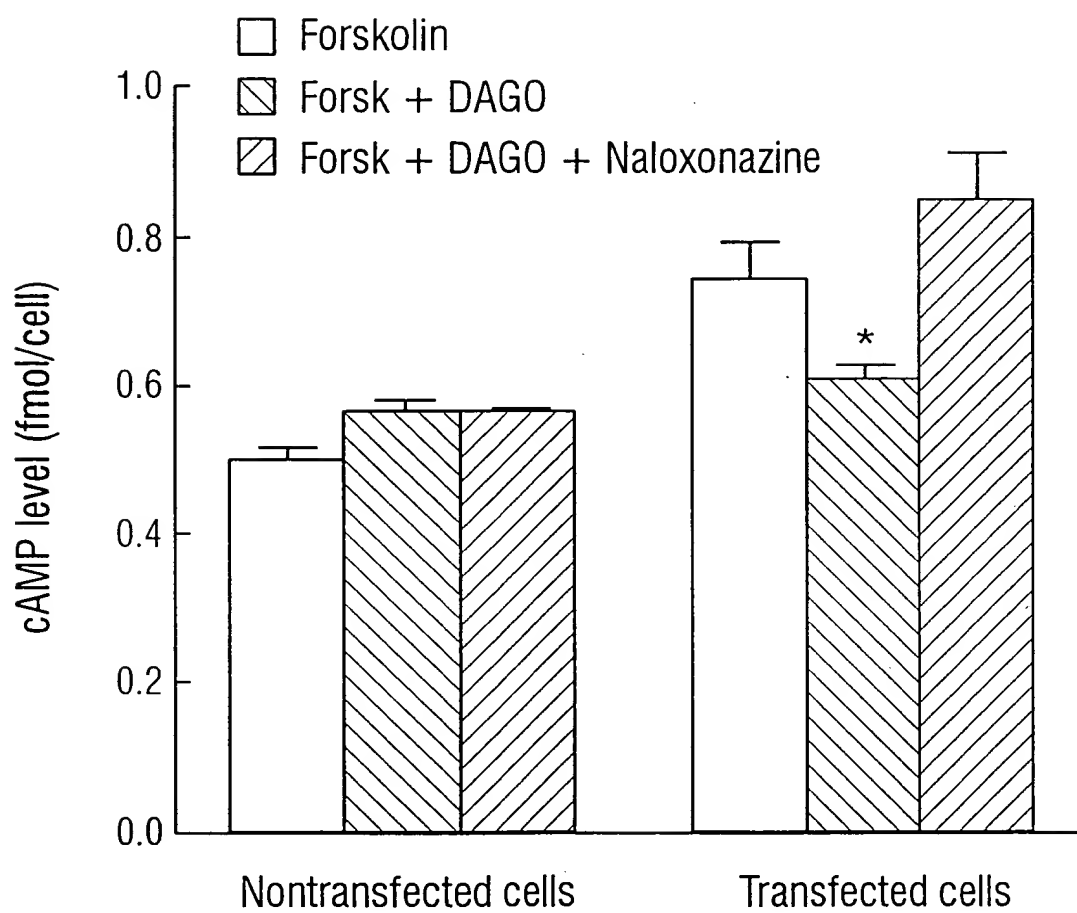


FIG. 4